Titre de la séance : TP1/ Chapitre 4. Comparaison Homme – Chimpanzé avec données génétiques.

Travail de réflexion : on veut utiliser des données génétiques pour comparer l'Homme et le chimpanzé. Stratégie élaborée à l'oral.

Prérequis : des liens de parenté peuvent être établis entre les êtres vivants. Pour cela, on se fonde sur l'étude de molécules homologues (exemple des opsines) : plus les séquences étudiées sont similaires, plus le lien de parenté est fort.

Matériel à votre disposition :

- Documents du livre pages 76 et 77.
- Logiciels Anagène et Phylogène (modes d'emploi dans votre répertoire).

Travail à faire :

- **Comparer** les caryotypes de l'Homme et du Chimpanzé, et **indiquer** les événements décelables qui différencient les chromosomes de l'homme de ceux du chimpanzé (référentiel de comparaison : chromosome humain).

Tableau comparatif des caryotypes

Chromosomes identiques	Fusion de chromosomes	Une portion en moins	Une portion en plus	Orientation inverse	Remaniements complexes

- Exploitation des documents 2 et 3 de la même page, des logiciels Anagène et Phylogène (ci-dessous).

- **Ouvrir** le logiciel anagène. Vous trouverez les séquences utiles dans le répertoire Sauve sous l'appellation « comparaison ».
Vous disposez alors de plusieurs séquences dont :
  - gènes codant une enzyme impliquée dans la synthèse de NAD (Nicotinamide Adénine Di nucléotide) ;
  - globine gamma (une chaîne peptidique d'une hémoglobine impliquée dans le transport de dioxygène) ;

Toutes ces séquences sont homologues.

- **Traiter** les séquences à l'aide du logiciel, afin d'établir les relations de parenté entre l'Homme et le Chimpanzé (ou traitera aussi gibbon, gorille et orang-outan) en prenant **l'Homme comme référence**.
- **Indiquer** vos résultats et **discuter** de la parenté Chimpanzé-Homme.

- **Ouvrir** le logiciel Phylogène, puis la collection « Archontes (Primates) ». Suivre l'arborescence « fichier » « ouvrir » « fichier de molécules ».
- **Exploiter** les séquences peptidiques de trois protéines : COX2 (COX2-primates.aln), HBB (HBB-primates.aln) et ASPM (ASPM-pro.aln) pour confirmer ou non les liens de parenté déjà établis (toutes sont des molécules homologues). Pour cela, **reproduire** la matrice des différences puis l'arbre (séquences homologues pour chaque exemple).
Pour information : COX2 est l'enzyme cyclo- oxygénase 2, HBB correspond à la chaîne bêta de l'hémoglobine, et ASPM intervient dans le déterminisme de la taille du cerveau.

Communication des résultats :

- Tableau fourni à remplir
- Tableaux, arbres, bilans écrits… pour Anagène et phylogène

Documents à étudier à la suite : documents page 77 (répondre à la fin de la tâche complexe).

Titre de la séance : TP2/ Chapitre 4. Développement embryonnaire.

Travail de réflexion : exploitation du livre aux pages 78 et 79.

Communication des résultats :

- Questions 1 à 4 page 79
- Tableau à compléter (pour le document 1)

		Trou occipital	Bipédie ou quadrupédie	Bourrelet sus-orbitaire	Canines	Prognathisme
Chimpanzé	Jeune					
	Adulte					
Homme	Jeune					
	Adulte					

Titre de la séance : TP3/ Chapitre 4. Les caractéristiques des Primates.

Travail de réflexion :

On cherche à positionner quelques espèces de primates actuels dans un arbre phylogénétique et ainsi à déterminer les caractères dérivés partagés par les Primates.

Prérequis :

Des liens de parenté peuvent être établis entre les êtres vivants : pour cela, on se fonde sur le partage d'innovations évolutives. Deux espèces qui possèdent une même innovation évolutive dérivent d'un ancêtre commun (hypothétique) : ce dernier possédait donc cette innovation. Les relations de parentés peuvent être représentées sous forme de groupes emboîtés ou d'arbres phylogénétiques.

Matériel à votre disposition : logiciel phylogène (et son mode d'emploi dans votre répertoire).

Communication des résultats :

- **Ouvrir** le logiciel et sélectionner le dossier « Archontes (primates) ». Dans le menu « construire une matrice », **étudier** les espèces de primates : babouin, chimpanzé, gibbon, gorille, homme, maki, orang-outan, tarsier et toupaïe. Le toupaïe est un mammifère proche parent des primates.
- **Sélectionner** les caractères suivants : terminaison des doigts - pouce - orbites - queue – narines et appendice nasal (ne pas prendre le « knuckle walking »). **Remplir** le tableau (matrice), puis **vérifier** (corriger si nécessaire).
- Une fois la matrice construite, **polariser** et **coder** les états des caractères de la matrice. On considère que le toupaïe, qui n'est pas un Primate, possède tous les caractères à l'état ancestral. Une fois le codage effectué, **vérifier** la validité.
- **Sélectionner** ensuite « établir des parentés » puis **organiser** le tableau de manière logique (« organiser le tableau »). Une fois cela fait, « choisir les taxons » et **établir** l'arbre reflétant les parentés entre les diverses espèces. Le **reproduire** (soit à l'écrit, soit à l'issue d'une copie d'écran rognée) et **placer** les différentes innovations dessus (trait et nom). Si vous souhaitez organiser la réponse sous forme de groupes emboîtés, c'est possible.

Bilan écrit :

- localisation de l'ancêtre commun aux primates et caractères dérivés partagés par les primates
- caractères dérivés partagés par les grands primates (hominoïdes).

Titre de la séance : TP3/ Chapitre 4. Les caractéristiques des Primates.

Travail de réflexion :

On cherche à positionner quelques espèces de primates actuels dans un arbre phylogénétique et ainsi à déterminer les caractères dérivés partagés par les Primates.

Prérequis :

Des liens de parenté peuvent être établis entre les êtres vivants : pour cela, on se fonde sur le partage d'innovations évolutives. Deux espèces qui possèdent une même innovation évolutive dérivent d'un ancêtre commun (hypothétique) : ce dernier possédait donc cette innovation. Les relations de parentés peuvent être représentées sous forme de groupes emboîtés ou d'arbres phylogénétiques.

Matériel à votre disposition : logiciel phylogène (et son mode d'emploi dans votre répertoire).

Communication des résultats :

- **Ouvrir** le logiciel et sélectionner le dossier « Archontes (primates) ». Dans le menu « construire une matrice », **étudier** les espèces de primates : babouin, chimpanzé, gibbon, gorille, homme, maki, orang-outan, tarsier et toupaïe. Le toupaïe est un mammifère proche parent des primates.
- **Sélectionner** les caractères suivants : terminaison des doigts - pouce - orbites - queue – narines et appendice nasal (ne pas prendre le « knuckle walking »). **Remplir** le tableau (matrice), puis **vérifier** (corriger si nécessaire).
- Une fois la matrice construite, **polariser** et **coder** les états des caractères de la matrice. On considère que le toupaïe, qui n'est pas un Primate, possède tous les caractères à l'état ancestral. Une fois le codage effectué, **vérifier** la validité.
- **Sélectionner** ensuite « établir des parentés » puis **organiser** le tableau de manière logique (« organiser le tableau »). Une fois cela fait, « choisir les taxons » et **établir** l'arbre reflétant les parentés entre les diverses espèces. Le **reproduire** (soit à l'écrit, soit à l'issue d'une copie d'écran rognée) et **placer** les différentes innovations dessus (trait et nom). Si vous souhaitez organiser la réponse sous forme de groupes emboîtés, c'est possible.

Bilan écrit :

- localisation de l'ancêtre commun aux primates et caractères dérivés partagés par les primates
- caractères dérivés partagés par les grands primates (hominoïdes).

Titre de la séance : TP4/ Chapitre 4. Le genre Homo

Travail de réflexion :

On veut déterminer les principaux caractères qui définissent le genre *Homo*. **Élaborer** une stratégie permettant de répondre à cette problématique (oral).

Prérequis : Homme et chimpanzé, qui sont des grands primates, partagent un ancêtre commun récent.

Matériel à votre disposition :

- Exploitation de fossiles, squelette humain, livre (documents 1 page 80, 3 et 4 page 81, pages 82 et 83).
- Logiciel phylogène

Communication des résultats :

- Caractéristiques principales des représentants du genre *Homo* à compléter (tableau issu de l'étude des fossiles, de phylogène dans lequel on trouve de nombreuses ressources).
- Élaboration d'arbres phylogénétiques avec le logiciel phylogène.
- Bilan sur le genre *Homo*.

Activité sur Phylogène.

- **Ouvrir** la collection « Homininés ». **Suivre** le même protocole que la fois précédente avec les espèces suivantes : chimpanzé (caractères ancestraux), A. afarensis, H. ergaster, H . neanderthalensis, H. habilis et H. sapiens.
- **Etablir** les relations de parenté entre ces espèces en ne prenant que quatre caractères pertinents (au choix dans la liste : front, bourrelet sus-orbitaire, menton, saillie des pommettes, cage thoracique, capacité cérébrale, canine, gros orteil, prognathisme, arcade dentaire, trou occipital, dents postérieures). Attention : un caractère peut subir deux innovations successives.

D'autre part, un certain nombre d'informations sur les représentants de la lignée humaine sont fournis dans Phylogène. Pour les trouver, aller dans « observer ». Pour chaque espèce, des « données » sont disponibles (générales ou anatomiques, avec pour ces dernières un choix entre « post-crânien », « boîte crânienne » ou « arcade dentaire »).

	Age	**Taille (m)**	**Localisation**	**Capacité crânienne (cm^3)**	**Prognathisme**	**Bourrelet sus-orbitaire**	**Mandibule**
Australopithecus afarensis							
Homo habilis							
Homo ergaster							
Homo neanderthalensis							
Homo sapiens							
(Chimpanzé)							

	Trou occipital	**Bassin**	**Col du fémur**	**Bipédie**	**Outils**	**Divers**
Australopithecus afarensis						
Homo habilis						
Homo ergaster						
Homo neanderthalensis						
Homo sapiens						
(Chimpanzé)						

Quelques caractéristiques des Homo (comparées à Australopithecus et au chimpanzé).